



Les populations de *Cymbidium mosaic virus* (CymMV) sont divisées en deux haplogroupes en expansion

Marion Moles^C, Hélène Delatte^U, Karin Farreyrol^U & Michel Grisoni^C
UMR PVBMT, CIRAD - Université de la Réunion, 97410 Saint Pierre, La Réunion
contact: michel.grisoni@cirad.fr



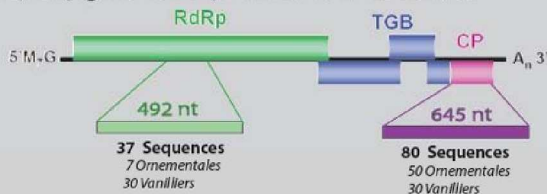
Le *Cymbidium mosaic virus* (CymMV, Potexvirus) est le principal virus infectant les orchidées ornementales et les vanilliers. Il provoque des altérations des fleurs et une baisse de vigueur pouvant entraîner la mort des plantes. Très facilement propagé par voie mécanique, le CymMV a une distribution mondiale.



Nous avons analysé la diversité génétique des populations de CymMV à partir de deux fragments géniques

Séquences

ARN polymérase (RdRp) et protéine de capsid (CP)
Séquençage direct de produits PCR + Genebank



Analyse des séquences avec DnaSP (1), Mega3 (2), Tree-Puzzle (3), RDP2 (4), Lamarc (5) et Hyphy (6)

Les populations de CymMV se ségrègent en deux groupes phylogénétiques (A & B)

* Tests de différenciation génétique (Kst, Z, Snn) très hautement significatifs pour les deux gènes
* Mais, au niveau protéique, les groupes A & B sont indiscernables

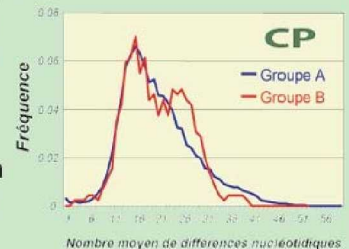
Les deux haplogroupes (A & B) divergent par des mutations monomorphes, généralement synonymes, réparties sur le génome

- * Divergence nucléotidique modérée (<15% substitutions)
- * Majorité (>75%) de mutations synonymes
- * Sélection purifiante forte sur les deux gènes
- * Biais d'usage des codons élevé, notamment pour la CP
- * Absence de recombinaison dans les régions étudiées

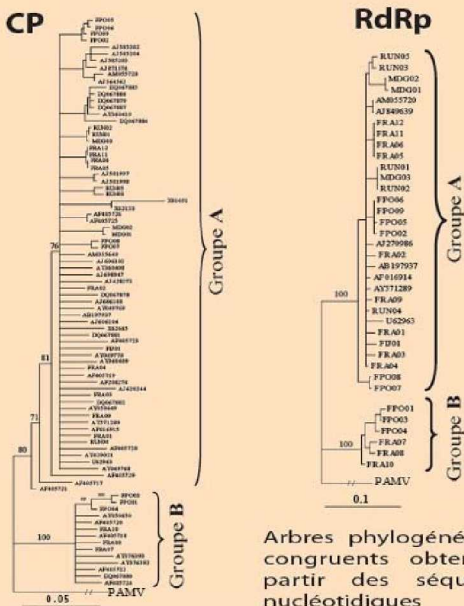
	Groupe	Nbre isolats	Sites ségrégeants		Pi	Theta	Mutations synonymes	K _a /K _s	ENC	%GC3
CP	A + B	80	278	0.054	0.087	75.9 %	0.040	44.3	65.1	
	A	66	244	0.032	0.079	75.9 %	0.092	44.3	65.5	
	B	14	88	0.032	0.043	77.2 %	0.049	44.4	63.3	
RdRp	A + B	37	126	0.053	0.061	89.9 %	0.010	53.3	40.0	
	A	31	80	0.023	0.041	88.1 %	0.026	53.6	38.3	
	B	6	30	0.027	0.027	86.7 %	0.039	52.0	48.9	

Faisceau d'indices en faveur de l'expansion des deux populations de CymMV

- * Fréquences des différences nucléotidiques proches d'une distribution de Poisson
- * Réfutation des hypothèses de neutralité (tests D, F*, R₂) en l'absence de sélection (test de Mc Donald & Kreitman NS)
- * Adéquation des données avec le modèle de croissance exponentielle (Lamarc)



	Groupe	Nbre isolats	Tajima's D	Fu & Li's F*	Ramos & Rozas's R ₂	Taux de croissance ⁽⁵⁾
CP	A + B	80	-1.665*	-2.759*	0.095**	149/175
	A	66	-2.293**	-3.449*	0.099***	242/228
	B	14	-1.373	-1.434	0.143**	362/389
RdRp	A + B	37	-0.808	-0.237	0.112	28/28
	A	31	-1.773	-1.481	0.117**	178/190
	B	6	0.094	0.000	0.197	267/216



Arbres phylogénétiques congruents obtenus à partir des séquences nucléotidiques

Conclusion

Les populations de CymMV qui infectent les orchidées cultivées ont une origine duale et sont en expansion comme après un passage par un goulet d'étranglement

Questions

Différences biologiques entre les isolats des types A et B ?
Pression de sélection s'exerçant au niveau de l'ARN génomique ?

Références

- 1 - Rozas, J., Sanchez-Del Barrio, J.C., Messeguet, X., and Rozas, R., 2003. DnaSP: DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19, 2496.
- 2 - Kumar, S., Tamura, K., and Nei, M., 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Brief Bioinform* 5, 150.
- 3 - Schmidt, H.A., Strimmer, K., Vingron, M., and von Haeseler, A., 2002. TREE-PUZZLE: maximum likelihood phylogenetic analysis using quartets and parallel computing. *Bioinformatics* 18, 502.
- 4 - Martin, D., and Rybicki, E., 2000. RDP: detection of recombination amongst aligned sequences. *Bioinformatics* 16, 562.
- 5 - Kuhner, M., Yamato, J., Beerli, P., Smith, L.P., Rynes, E., Walkup, E., Li, C., Sloan, J., Colacurcio, P., and Felsenstein, J., 2005. LAMARC v2.0. University of Washington <http://evolution.gs.washington.edu/lamarc.html>
- 6 - Kosakovsky Pond, S.L. and Frost S.D.W. (2006) <http://www.datamonkey.org>

Remerciements à Benoit MOURY, INRA - Avignon